

TITRE

Les populations de *Cymbidium mosaic virus* (CymMV, *Potexvirus*) se divisent en deux haplogroupes en expansion.

Auteurs :

Moles, M.¹, Delatte, H.², Farreyrol, K.² & M. Grisoni¹

¹ CIRAD, UMR CIRAD-UR « Peuplements Végétaux et Bioagresseurs en Milieu Tropical », Pôle de Protection des Plantes, 97410 Saint Pierre - La Réunion

² Université de la Réunion, UMR CIRAD-UR « Peuplements Végétaux et Bioagresseurs en Milieu Tropical », 15 avenue René Cassin BP 7151, 97715 Saint Denis messag cedex 9 - La Réunion

Correspondance : michel.grisoni@cirad.fr

RESUME

La diversité génétique du *Cymbidium mosaic virus* (CymMV, *Flexiviridae*) a été analysée à partir des séquences de deux gènes; RNA polymérase (RdRp, 37 séquences) et protéine de capsid (CP, 85 séquences).

La population de CymMV a une diversité nucléotidique modérée ($\pi=0.053$ et $\pi=0.054$ pour les gènes de RdRp et CP respectivement) mais est divisée en deux groupes phylogénétiques bien distincts (CymMV-A et CymMV-B). Ces deux groupes diffèrent également par le biais d'usage des codons et la structure secondaire des ARN. La majorité des différences nucléotidiques inter groupes est constituée de mutations silencieuses répartie uniformément le long des gènes étudiés. De ce fait, les séquences en acides aminés sont peu divergentes (86 à 100 % d'identité) et les deux groupes d'isolats indiscernables au niveau protéique. L'analyse des paramètres de génétique des populations montre que les deux gènes étudiés sont soumis à une forte pression de sélection ($Ka/Ks = 0.009$ et 0.040 pour les gènes RdRp et CP, respectivement) et suggère une forte expansion des populations de CymMV. Les isolats de CymMV qui infectent les orchidées cultivées paraissent donc avoir une origine duale et être issus de deux goulots d'étranglement. L'éventualité de propriétés biologiques différentes pour les deux groupes d'isolats reste à déterminer.